

La conception génétique des silhouettes de voitures

Bernard Yannou, Markus Dihlmann

▶ **To cite this version:**

Bernard Yannou, Markus Dihlmann. La conception génétique des silhouettes de voitures. Management & sciences sociales, 2009, Marketing et Design, 6, pp.148-161. hal-01152268

HAL Id: hal-01152268

https://centralesupelec.hal.science/hal-01152268

Submitted on 15 May 2015

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Yannou B., Dihlmann M. (2009) 'La conception génétique des silhouettes de voitures', Management et Sciences Sociales, numéro spécial sur "Marketing et Design", vol. 6

LA CONCEPTION GENETIQUE DES SILHOUETTES DE VOITURES

Bernard Yannou, Professeur
Markus Dihlmann, élève-ingénieur

Ecole Centrale Paris – Laboratoire Génie Industriel
Grande Voie des Vignes
92290 Châtenay-Malabry, France
Tel: (33) 1 41 13 15 21 – Fax: (33) 1 41 13 12 72
bernard.yannou@ecp.fr

Résumé : Un nouveau système d'aide au design de silhouettes d'artefacts est proposé. Il s'agit d'un Algorithme Génétique Interactif - AGI - qui permet d'explorer de grands espaces de solutions potentielles de silhouettes en impliquant le designer à l'étape cruciale d'évaluation d'une population d'individus. Notre AGI est basé sur un système de codage génétique d'une courbe fermée par décomposition en série de Fourier. Un opérateur de croisement génétique est proposé pour combiner le génome de deux silhouettes parents en un nouveau génome viable par un principe de moyenne pondérée. Un indice de similarité entre deux génomes est proposé pour vérifier que notre AGI est capable de converger vers une silhouette cible qu'un designer pourrait avoir en tête. Il s'agit d'une approche prometteuse qui pourrait générer de la surprise et aider à la production d'idées innovantes. L'approche a été appliquée au design de profils de voitures.

Mots-clés : Algorithmes Génétiques Interactifs, conception de formes, profil de voiture, décomposition en série de Fourier, conception évolutionnaire, aide à l'innovation, aide à la conception, intelligence artificielle

1. Introduction

Le design consiste à créer des formes et structures innovantes. Définir une nouvelle forme et un nouveau style pour un artefact est un processus de mise au point nécessitant une expertise considérable et généralement un sens artistique. En effet, en partant d'une idée initiale, un designer – au sens français de *designer industriel* ou *styliste* – initie la plupart du temps un processus d'amélioration continue au travers de multiples esquisses et dessins en réagissant et développant des

intuitions et de nouvelles pistes de manière réflexive avec ces objets intermédiaires qu'il crée [Jeantet 1998]. Est-il possible d'aider un designer dans tel processus d'amélioration continue ? Nous nous sommes donnés pour objectif de développer un outil d'aide à une exploration plus systématique d'un espace large de styles et de formes, exploration qui puisse lui permettre de converger plus rapidement et plus surement vers une forme idéale ou, tout au moins, satisfaisante à ses yeux. Dans ce champ de l'aide à l'exploration créative, la simulation évolutionnaire dite *Evolutionary Computation* (EC) est une approche majeure. Les *algorithmes génétiques* (AG) en sont une sous-catégorie [Bentley *et al*; Renner *et al* 2003] ; ils ont été développés à l'origine pour résoudre des problèmes d'optimisation complexes. En prenant la théorie Darwinienne de l'évolution et de la sélection naturelle comme paradigmes, les AG opèrent sur une population d'individus où chaque individu représente une solution possible au problème initial. La structure et les qualités ou propriétés de chaque individu sont codés en un génome composé d'un certain nombre de gènes. La recombinaison de deux génomes permet de produire de nouveaux individus (solutions) héritant de certaines caractéristiques parentales. Les individus qui n'apparaissent pas adaptés à leur environnement – c'est-à-dire dont les propriétés ne sont pas celles attendues – ne sont pas sélectionnés, ou tout au mois, sont défavorisés pour procréer ; c'est ainsi que s'opère la sélection naturelle. De cette manière, les individus améliorent, en moyenne, leurs qualités d'une génération à l'autre. Les algorithmes génétiques interactifs (AGI, voir [Kim *et al* 2000; Yanagisawa *et al* 2005]) représentent une classe particulière d'AG où un être humain – ici, le designer – joue un rôle clé puisque c'est lui qui est au cœur de la tâche de sélection des individus procréateurs d'une génération en leur attribuant une note « d'adéquation à leur environnement » – c'est-à-dire répondant bien au problème initial ou aux attentes du designer –. Les AGI sont par conséquent particulièrement bien adaptés aux situations où il est impossible ou difficile d'expliciter la fonction de préférence d'un individu – on parle de fonction de *fitting* – et d'autant plus quand il est difficile de qualifier les propriétés attendues de ces individus. C'est typiquement le cas des designers qui analysent plus aisément de manière interne la valeur d'une solution de conception plutôt qu'en verbalisant les raisons. Le point le plus délicat à résoudre quand on désire utiliser un AG est le codage du génome (voir [Nicaise *et al* 2007]) qui doit permettre de déduire le phénotype, c'est-à-dire la structure physique d'un individu et en conséquence d'évaluer en automatique (fonction de *fitting* explicite) ou pas – AGI – son adéquation à l'environnement. La plupart des systèmes utilisent un système de codage direct où les dimensions géométriques et la composition de la structure de l'individu sont directement représentées dans le génome. Pour concevoir une bouteille par exemple [Ang *et al* 2006] ou concevoir des formes cylindriques [Yanagisawa *et al* 2005], le phénotype est représenté dans le génome par une série de paramètres géométriques comme des rayons, des longueurs et des positions de pièces. En conséquence, le codage est dépendant du contexte, de l'architecture de la forme. D'autres travaux utilisent des structures d'arbre [Liu *et al* 2002] ou des grammaires de formes [Osborn *et al* 2006] pour coder le génome. Kim et Cho [Kim *et al* 2000] ont utilisé un ensemble prédéfini de parties de vêtements pour explorer un espace fini de concepts de vêtements en combinant différemment les éléments de base (col, manches, bustier, etc.). L'espace des solutions potentielles étant relativement limité pour toutes ces méthodes, on peut légitimement se demander si une solution réellement innovante peut émerger de ces processus d'exploration. De plus, tous ces systèmes sont conçus pour un domaine de conception donné. L'adaptation de chacune de ces méthodes à de nouvelles applications de conception est une tâche délicate et requiert du temps. Or, une bonne méthode de conception se doit, autant que possible, d'être applicable sur un large éventail de situations – produits et contextes de conception –.

Dans cet article, nous commençons par proposer une méthode de codage d'une courbe fermée 2-dimensions (2D) qui est supposée correspondre à un style désiré. Cette situation peut par exemple correspondre à tous les objets possibles représentés par leur silhouette ou contour 2D. Par exemple, une silhouette de voiture est une caractéristique essentielle dans la perception d'une voiture. En effet, Cheutet [Cheutet 2007] a montré que le caractère d'une voiture vue de profil s'exprime principalement au travers d'une série de 10 lignes de style (voir la figure 1). Cinq d'entre elles dénommées *hood line*, *windshield line*, *roof line*, *wheelbase line* and *wheel arch* dans la figure 1 forment la silhouette – contour fermé - de la voiture. Ces lignes essentielles, et principalement la

silhouette, ont un pouvoir expressif important car elles traduisent bien des perceptions comme la sportivité, l'agressivité, l'harmonie, la quiétude, etc. Sachant qu'il est prouvé que les aspects esthétiques et perceptifs comptent pour 70% des intentions d'achat d'un véhicule neuf et que la silhouette de profil détermine une part de cette perception extérieure [Cheutet 2007], on peut légitimement accorder de l'importance à la mise au point de la silhouette d'un nouveau véhicule

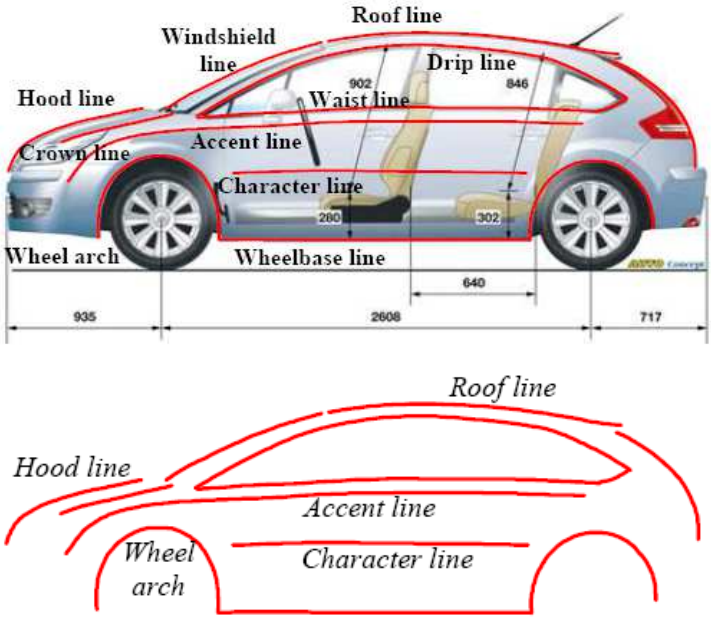


Figure 1. Les lignes de style principales d'une voiture Citroën vue de profil (extrait de [Cheutet 2007])

Nous proposons dans cet article un nouveau principe de codage des gènes d'une silhouette de voiture par décomposition d'une courbe fermée en série de Fourier. Puis, un *algorithme génétique interactif* – AGI – a été développé en proposant un principe de *croisement* génétique – *crossing-over* – entre les gènes de deux parents. L'interactivité du système proposé tient en ce que c'est le designer lui-même qui évalue qualitativement les *individus* – solutions données de silhouettes – à chaque génération. On s'attend de cette manière à ce que des concepts innovants de silhouettes de voitures émergent peu à peu grâce à une collaboration équilibrée entre ce processus d'exploration de l'espace des solutions potentielles de silhouettes – défini par le potentiel génétique des individus de la première génération – et l'interaction du designer. Nous apportons des éléments de preuve que l'innovation et la surprise peuvent bien émerger de l'utilisation d'un tel système d'aide à la conception. Pour cela, nous montrons que la population initiale d'individus prise en compte contient une richesse génétique suffisante pour être capable de converger vers une silhouette désirée qui n'était pas présente au sein de cette population initiale.

L'article commence par expliquer les principes d'une décomposition en série de Fourier d'une courbe fermée et le principe de codage génétique en section 2. La section 3 présente le processus de l'algorithme génétique interactif ainsi que les différentes opérations for générer une population initiale de silhouettes et le principe de l'opérateur de croisement pour combiner deux génomes. Dans la section 4, un test de convergence vers une silhouette de référence est réalisé pour démontrer qu'il est possible de converger vers une silhouette qui ne figurait pas parmi la population initiale. Ce test est basé sur un *indice de similarité* entre deux génomes dont le principe est également abordé. La conclusion ouvre sur de nombreuses pistes de recherche comme des applications sur l'*effet de marque* en design.

2. Le génome

Les méthodes usuelles pour coder le phénotype d'un artefact – c'est-à-dire sa structure – sont de paramétrer cette structure par les dimensions ou *cotes* les plus importantes (voir [Ang *et al* 2006; Yanagisawa *et al* 2005]), comme une longueur totale, la position des pneus et leur position pour une voiture par exemple. Une autre méthode est d'utiliser une grammaire de formes (voir [Osborn *et al* 2006]) qui décrit la succession d'opérations de transformations élémentaires de la structure à partir d'une forme simple initiale, transformations définies par des règles d'une grammaire – au sens informatique -.

En ce qui concerne le codage d'une courbe plane fermée, McGarva [McGarva *et al* 1993] a proposé son développement en série de Fourier comme une méthode de représentation de son phénotype. Nous avons personnellement déjà utilisé cette théorie dans [Vasiliu *et al* 2001] pour approximer des courbes fermées en les cinq premières harmoniques de sa décomposition en série de Fourier. Nous avons ainsi été capables de construire un Réseau de Neurones Artificiel – RNA – pour synthétiser la structure d'un mécanisme cinématique à quatre barres ayant pour fonction de décrire une trajectoire correspondant à une courbe fermée donnée. Cette approche n'est pas aussi rigide que l'approche courante de paramétrage qui a été évoque, ceci pour plusieurs raisons :

- Ce codage est supposé permettre d'accéder à un ensemble bien plus important de formes de courbes fermées que par une approche de paramétrage ou l'ensemble des formes atteignables aurait une structure nécessairement prédéterminée.
- Tous les types de formes peuvent être représentés, même celles avec de petits détails, ce qui peut être de la plus haute importance pour provoquer des sensations et émotions.
- Ce codage d'une courbe quelconque peut être effectué au travers d'un génotype d'une longueur constante donnée, ce qui simplifie considérablement des étapes cruciales de l'AG comme l'opération de croisement entre les génotypes des parents.
- Au final, les gènes tels qu'ils sont définis dans notre approche se sont avérés étroitement associés à des caractéristiques physiques – ou encore structurelles ou phénotypiques -, ce qui est primordial pour espérer converger vers une forme 2D idéale après plusieurs générations.

La théorie de McGarva de décomposition en série de Fourier d'une courbe fermée considère que la position de chaque point appartenant à cette courbe peut être exprimée par une fonction complexe *z(t)* dans le plan complexe :

$$z(t) = x(t) + i\, y(t) \tag{1}$$

Comme *z(t)* est une courbe fermée, la fonction est périodique. La période est normalisé avec : *z(t+1) = z(t)* et *t* variant de 0 à 1. Cette fonction *z(t)* peut donc être décomposée en série de Fourier en utilisant la formule (2) bien connue.

$$z(t) = \sum_{m=-\infty}^{\infty} a_m \exp(2\pi i m t) \tag{2}$$

Les coefficients complexes de Fourier peuvent être calculés par la formule (3).

$$a_m = \int_0^1 z(t) \exp(-2\pi i m t)\, dt \tag{3}$$

Le coefficient a_0 est appelé *fondamental*, a_1 et a_{-1} représentent la première harmonique, a_2 et a_{-2} la seconde harmonique, etc.

Comme nous le verrons par la suite, la fonction *z(t)* n'est pas une fonction analytique – c'est-à-dire définie par une formule – au départ -. De manière plus pragmatique, nous supposons que cette courbe

est définie initialement par un ensemble de points successifs z_k ($k=0,..,N$) appartenant à la courbe. De manière à calculer les coefficients a_m définis par la formule (3), nous avons besoin d'une approximation numérique de $z(t)$. Nous obtenons cette approximation en divisant la courbe en N segments connectant chaque point avec son successeur. Nous appelons t_k la longueur de la courbe entre le premier point z_0 et le point z_k. Sous ces conditions, l'intégrale de la formule (3) peut être calculée par la formule du trapèze (4).

$$a_m = \sum_{k=0}^{N} \left(\frac{t_{k+1} - t_k}{2} \left(z_{k+1} \exp(-2\pi i m t_{k+1}) + z_k \exp(-2\pi i m t_k) \right) \right) \tag{4}$$

La fonction z est périodique, ce qui implique que $z_{N+1} = z_0$, $x_{N+1} = x_0$ et $y_{N+1} = y_0$. La valeur de t_k est le rapport de la longueur de la courbe jusqu'au point k, soit L_k, et de la longueur totale L de la courbe, voir les formules (5).

$$t_k = \frac{L_k}{L}, \quad L = \sum_{i=0}^{N} \sqrt{(x_i - x_{i+1})^2 + (y_i - y_{i+1})^2} \quad \text{et} \quad L_k = \sum_{i=0}^{k-1} \sqrt{(x_i - x_{i+1})^2 + (y_i - y_{i+1})^2} \tag{5}$$

Pour construire le génome d'une silhouette de voiture, nous développons cette silhouette en une série de Fourier et définissons le coefficient fondamental a_0 comme le gène numéro zéro. La première harmonique (a_1, a_{-1}) représente le premier gène, la seconde harmonique (a_2, a_{-2}) le second gène, etc.

A l'inverse, sur la base des données d'un génome, la courbe fermée ou silhouette d'origine peut être reconstruite d'une manière toutefois légèrement approximée puisqu'il faudra bien se limiter à stocker un nombre p d'harmoniques. Ce nombre p est appelé la *précision* du codage-décodage. La courbe reconstituée durant le décodage est l'ensemble des points P_k de coordonnées (x_k, y_k) sur la courbe z^* définie par la formule (6) qui approche la formule (2).

$$z^*(t_k) = x_k + i y_k = \sum_{m=-p}^{p} a_m \exp(2\pi i m t_k) \tag{6}$$

Le paramètre t_k ($0 \le t_k \le 1$) définit la position sur la courbe et p fixe le nombre d'harmoniques pour le décodage. Quand p égale 1 par exemple, nous utilisons une seule harmonique pour reconstruire la silhouette de la voiture d'origine. Plus on utilise d'harmoniques dans un génome, meilleure est l'approximation de la courbe d'origine, comme le montre clairement la figure 2 où le profil d'une voiture *Smart* apparait déjà clairement au-delà d'une vingtaine d'harmoniques.

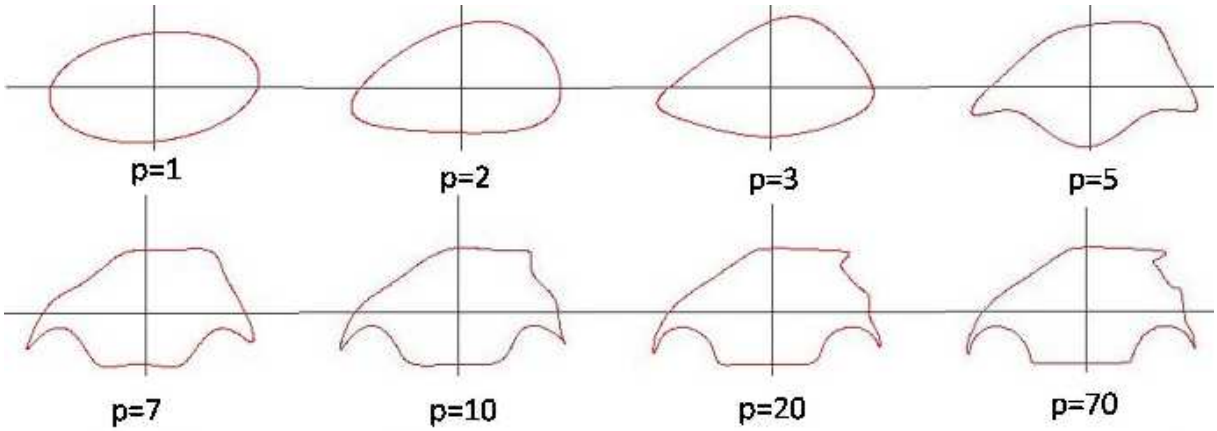


Figure 2. Décodage du génome d'une voiture *Smart* avec différentes précisions

Il peut être facilement montré que le coefficient fondamental a_0 représente les coordonnées du centre de gravité de la courbe dans le plan complexe. La première harmonique (a_1 et a_{-1}) contient l'information définissant une ellipse approchant la forme globale. L'influence des autres gènes ne peut pas être illustrée simplement. Disons seulement que les premiers gènes influencent la forme basique de la silhouette alors que les gènes de plus haut rang apportent des détails plus locaux avec une dynamique plus élevée – petits rayons de courbure, points de rebroussement -.

3. Le processus de l'algorithme génétique interactif

Le processus pour trouver de nouvelles solutions de conception peut être déparé en deux phases (voir figure 3). Durant la phase 1, une population initiale est créée. La phase 2 consiste en une boucle où l'utilisateur – ici le designer – évalue la population courante et l'algorithme génétique procède ensuite en une évolution de la population en suivant les indications données par l'utilisateur.

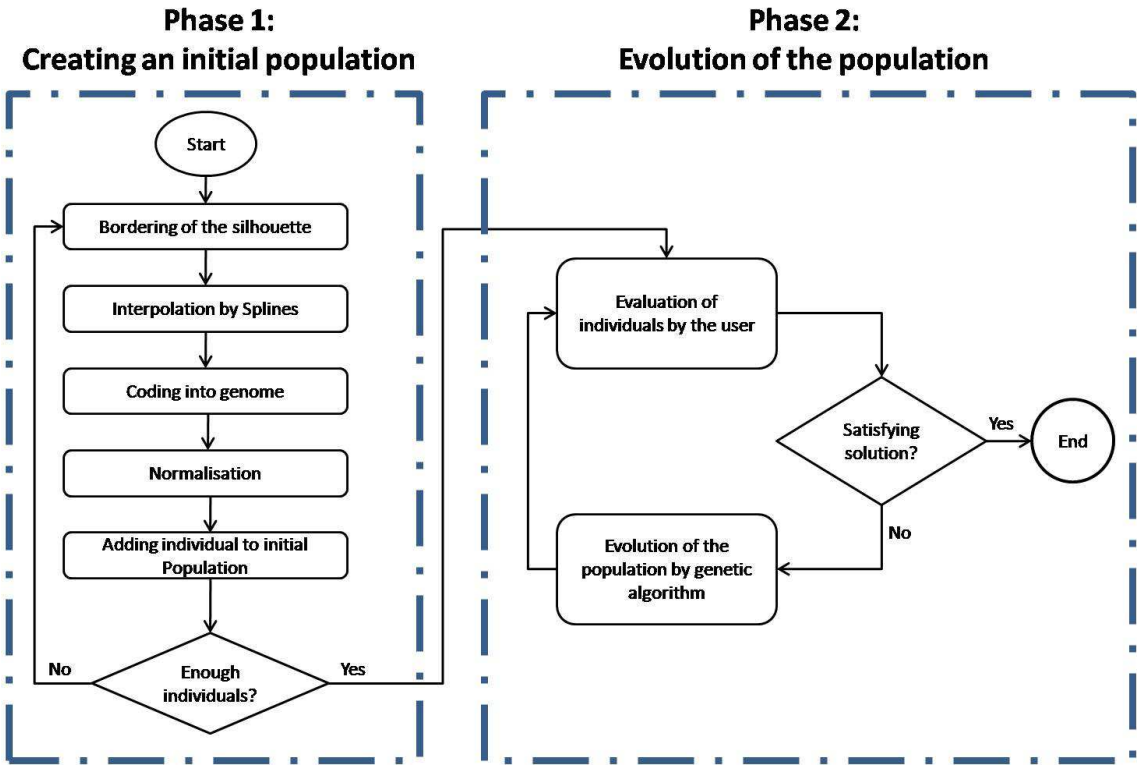


Figure 3. Processus de l'algorithme génétique interactif

3.1. Phase 1 : Création d'une population initiale

L'algorithme génétique nécessite l'existence d'une population initiale d'individus et leur code génétique pour commencer à opérer. Une population initiale de 30 silhouettes de voitures existantes a donc été établie. De manière à facilement esquisser ces silhouettes, une interface en Java a été développée pour faire apparaitre en fond d'écran la photographie d'une voiture existante, permettre de détourer sa silhouette par des clics souris successifs (voir figure 4), et transformer cette série de points en un génotype au travers de plusieurs étapes qui vont être présentées dans ce qui suit.

Pour que l'opération de détourage soit satisfaisante, un nombre suffisant de points doivent être générés pour représenter la silhouette avec autant de détails que possible. En règle générale, un nombre M de points compris entre 60 et 80 par silhouette s'est révélé un bon compromis.

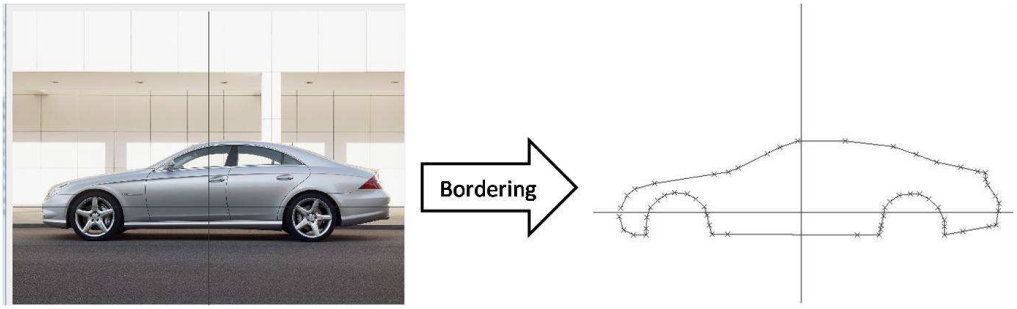


Figure 4. Après le détourage d'une photographie de voiture existante, nous obtenons une courbe fermée faite d'une succession de points

Cependant, ce nombre de points *M* – entre 60 et 80 – n'est pas suffisant pour calculer un génome qui soit assez précis pour permettre un décodage hautement détaillé du phénotype. La raison est qu'avec ce nombre de points, le fait de les relier par des segments de droite facettise la silhouette faisant apparaitre des angles entre segments qui génèrent alors des harmoniques élevées.
En conséquence, il nous faut augmenter le nombre de points décrivant la silhouette par des interpolations qui lissent ou adoucissent la silhouette. La courbe produite par interpolation doit tout de même rester proche de la courbe d'origine et doit être continûment dérivable en chaque point. Lorsque la courbe n'est pas continûment dérivable, le décodage du génotype produit des oscillations hautes fréquences injustifiées. Nous avons alors opté pour la solution la plus simple : celle de la construction de splines bicubiques liant trois points successifs comme indiqué en figure 5 avec une tangente au point intermédiaire colinéaire à la droite reliant les deux points extrêmes. Cette méthode fournit une nouvelle courbe moins anguleuse qu'avec des segments de droite et proche de la silhouette réelle d'origine, sans produire d'oscillations.
Une dernière étape consiste à générer tout au long de chaque spline un nombre de points donné pour aboutir à un nombre total de points *N* tel que *N*>*M*. Les formules (4) et (5) peuvent alors être utilisées pour déterminer le génome.

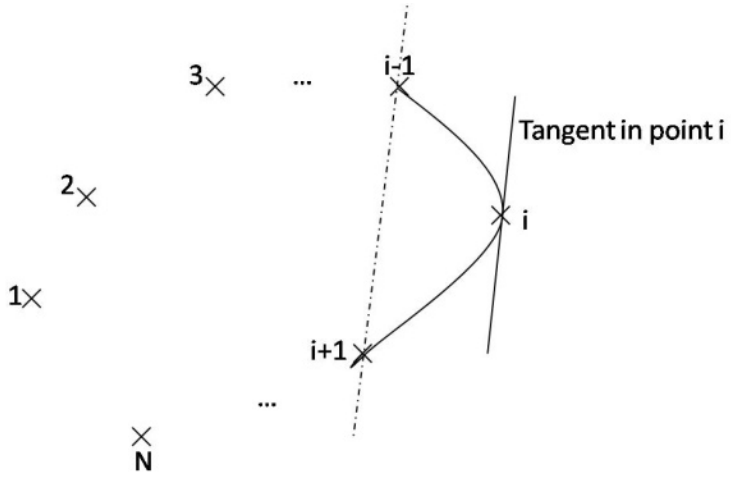


Figure 5. La tangente de la spline au point *i* est parallèle à la droite passant par les points *i-1* et *i+1*

Le processus global de construction d'une population initiale d'individus définis par des gènes est donc le suivant : (1) détourage d'une voiture existante, (2) construction de splines et interpolation de points supplémentaires (*N* au total) le long de ces splines, (3) calcul des *p* premières harmoniques – génotype -, (4) reconstruction de la silhouette de voiture – phénotype – à partir du génotype. La qualité globale de ce processus dépend donc du bon réglage du nombre *N* de points définissant la courbe et du nombre *p* d'harmoniques codant le génotype. Ce nombre *p* d'harmoniques a une

influence sur la représentation de détails et de phénomènes anguleux à forte variation de courbure ; il ne faut donc pas que ce nombre soit trop faible pour une bonne fidélité à la courbe initiale. Le nombre *N* de points de la courbe a une influence sur la justesse des coefficients de Fourier ; il ne doit donc pas être trop faible. Nous avons alors procédé à de nombreux essais en faisant varier ces deux paramètres et en superposant les courbes initiales et courbes reconstituées ; nous avons représenté quelques-uns de ces résultats en figure 6. On voit sur la figure 6 que pour une valeur de *p* donnée, il ne faut pas que le nombre *N* de points soit relativement trop faible car on génère alors des instabilités dans la reconstruction de la courbe. Nous avons finalement opté pour un génome de taille 71 (donc *p*=70 plus le coefficient *fondamental*) et un nombre de points *N* approximativement de 1500.

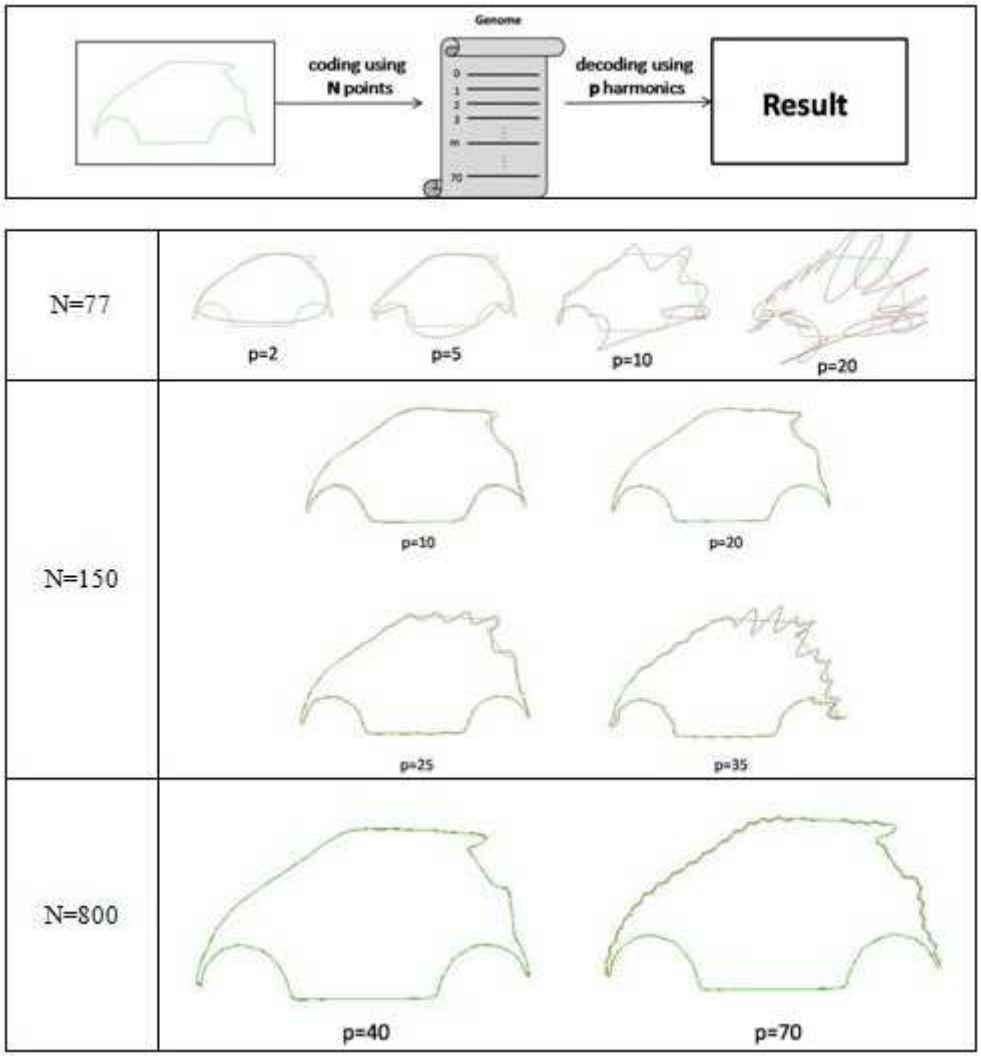


Figure 6. Comparaison des silhouettes après interpolation avec *N* points, codage avec *p* harmoniques et décodage

Une dernière opération de *normalisation* est nécessaire sur les données du génome de manière à ce que les phénotypes – silhouettes – soient insensibles par rapport à un positionnement particulier dans le plan de représentation, à la taille et à l'orientation particulière de la silhouette. Ce qu'on veut dire par là, c'est que deux silhouettes qui ont la même forme, mais a priori des tailles, orientations et positions différentes, doivent avoir le même code génétique et, par contrecoup, être finalement représentées de manière identique. Le coefficient a_0 est alors simplement mis à 0 pour ramener le centre de gravité de la courbe à l'origine du repère du plan de représentation. On a constaté que l'invariance par rotation est rendue inutile car les silhouettes de la population initiale sont esquissées horizontalement et les générations suivantes de silhouettes s'avèrent rester horizontales comme

l'étaient leurs parents. McGarva [McGarva *et al* 1993] propose de normaliser la taille des courbes en ramenant à 1 la taille du petit axe de l'ellipse définie par les coefficients de la première harmonique (a_1 et a_{-1}). Cela reviendrait dans notre cas à fixer une hauteur constante les silhouettes de voiture, ce qui ne serait pas « juste » pour les voitures courtes et hautes. Nous avons préféré nous rendre invariants de la taille des silhouettes en instaurant une aire constante de la silhouette qu'on approche par la multiplication du petit et du grand axe de l'ellipse décrite par la première harmonique. Cela revient à diviser tous les coefficients (a_i et a_{-i}) par une valeur fonction de $|a_1|$ et $|a_{-1}|$ (la formule n'est pas détaillée ici).

3.2. Phase 2 : Evolution de la population

Nous utilisons donc un algorithme génétique pour faire évoluer une population d'individus de génération en génération et faire apparaître de l'innovation. Les individus vont se reproduire en croisant leurs gènes pour produire de nouveaux individus, qui sont dans notre cas des silhouettes de voiture. Une note d'*adaptation* – ou *fitness* – est donnée à chaque individu d'une génération par l'utilisateur – dans notre cas, le designer -. Cette note d'adaptation f est une valeur comprise entre 0 et 6 – donc 7 niveaux – où 0 est la pire évaluation et 6 la meilleure. La note est entrée par l'intermédiaire d'une interface (voir figure 7) qui permet de visualiser 6 silhouettes à la fois. Le designer fait défiler les individus pour compléter l'évaluation du reste de la population. Cette note d'adaptation va conditionner l'aptitude – probabilité – d'un individu à se reproduire et à transmettre son code génétique. De plus, elle va aussi influencer sa chance de survivre d'une génération à la suivante. Quatre opérateurs définissent classiquement un mécanisme d'algorithme génétique :

- **La sélection** : elle décide quels individus vont se reproduire et produire des descendants.
- **Le croisement :** il définit la règle pour bâtir le génome de l'enfant à partir de ceux de ses parents.
- **La mutation :** elle modifie d'une manière aléatoire le génome après le croisement.
- **La mort :** elle décide quels individus de la population des parents survivent dans la génération suivante.

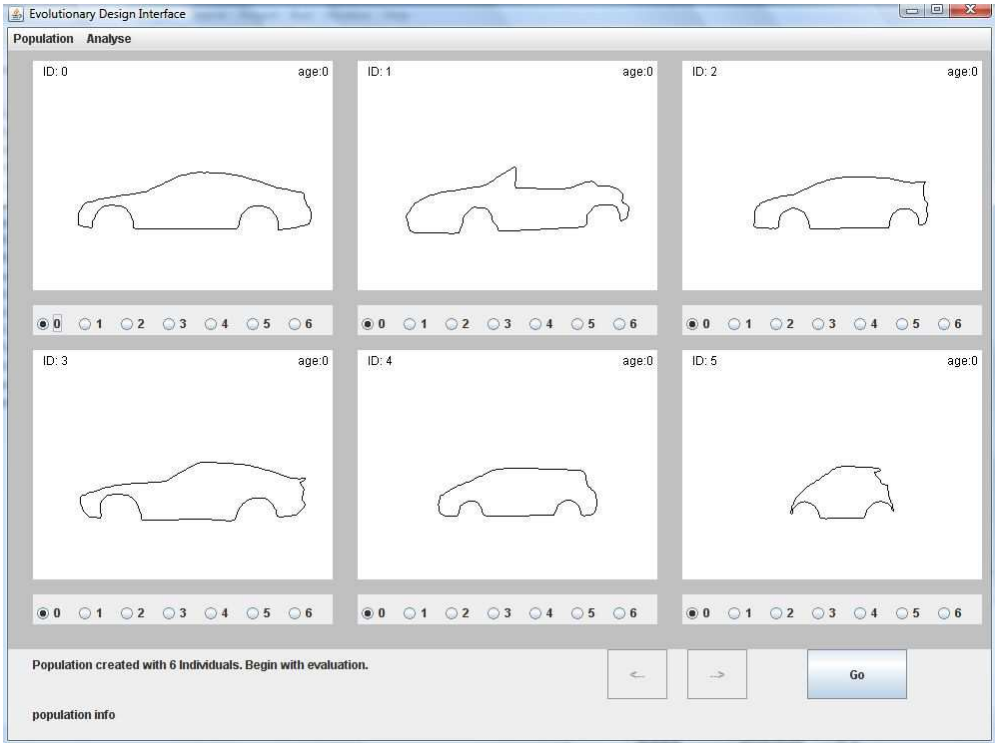


Figure 7. L'interface utilisateur permet au designer d'évaluer 6 silhouettes à la fois. Le designer fait défiler les silhouettes suivantes avec les boutons-flèches

Nous avons décidé d'adopter des paramètres classiques pour les opérateurs de *sélection* et de *mort*, mais de proposer un opérateur de *croisement* original. A part, la population initiale qui totalise 30 individus dont les génomes sont ceux de voitures existantes, les générations suivantes sont de 100 individus. Nous avons choisi un *taux de renouvellement - turnover rate* - de 0.7, ce qui signifie que 30 individus d'une génération sont gardés dans la génération suivante et que 70 enfants sont générés pour renouveler la population. C'est une manière pour ne pas perdre irrémédiablement les individus jugés excellents. La probabilité pour un individu d'être sélectionné en tant que parent est proportionnel à sa note d'adaptation. Après avoir choisi deux individus pour être parents, leurs génomes sont combinés en le génome d'un enfant par application des opérateurs de croisement puis de mutation. Après cela, les deux parents peuvent à nouveau être choisis pour produire un nouveau descendant.
Nous avons envisagé plusieurs possibilités pour croiser les deux génomes des parents. Par exemple, nous avons imaginé et testé un principe de « séparation en deux parties » qui semblait prometteur au début. Cela consistait à choisir aléatoirement un gène de coupure X compris entre 2 et 70 – on rappelle que $X=p+1$ -. Le génome de l'enfant était construit à partir des X premiers gènes du parent A est des $(71 - X)$ derniers gènes du parent B. Cette méthode a produit des silhouettes innovantes mais au fur et à mesure des générations des silhouettes aberrantes apparaissaient avec des boucles, des oscillations ; des formes comme l'entourage des roues avaient tendance à disparaître. Une apparition trop importante d'individus aberrants dénote un mauvais principe de croisement.
Le meilleur principe de croisement a été d'opérer une « moyenne pondérée des génomes ». On commence par choisir aléatoirement un poids W entre 0 et 100%. Le gène g^* de l'enfant est construit en calculant la moyenne pondérée des gènes $g_{m,1}$ et $g_{m,2}$ des parents selon la formule (7).

$$g_m^* = \frac{W g_{m,1} + (100 - W) g_{m,2}}{100} \tag{7}$$

En faisant varier le poids W continûment entre 0 et 100% on obtient une évolution progressive de la silhouette de l'enfant entre la silhouette du parent B et la silhouette du parent A (voir la figure 8). Les deux avantages de ce principe de croisement est qu'un enfant hérite fortement des traits caractéristiques d'un de ses parents ou des deux à la fois, et qu'il ne produit pas – ou presque - d'enfant aberrant. Les entourages de roues par exemple restent circulaires. Le désavantage de ce principe est que la largeur de l'espace d'exploration – la disparité possible des descendants – est peut être moindre que pour le premier principe de croisement évoqué. En conséquence, la population a tendance à converger assez rapidement, en peu de générations, vers des solutions quasi identiques. Il n'est jamais bon de converger trop rapidement, c'est pour cette raison et celle de l'élargissement du champ de recherche que l'opérateur de mutation est utile. Nous ne le détaillons pas ici, disons simplement qu'il consiste à perturber la valeur d'un gène après croisement.
L'opérateur de mort commence par éliminer tous les individus qui ont eu une note de 0, le 0 étant considéré comme très insatisfaisant et l'individu ne devant pas transmettre son code génétique. Les autres individus on tune chance de survivre. En fait, les individus sont éliminés par la méthode de la roulette inverse. Cela signifie que la probabilité pk_i pour un individu d'être éliminé s'exprime par la formule (8).

$$pk_i = \frac{(7 - f_i)}{\sum_{i=1}^{N^*}(7 - f_i)} \tag{8}$$

où f_i est la note d'adaptation de l'individu i et N^* est le nombre d'individus dans la population qui n'a pas eu de note nulle.

Parent no 1 : Mercedes CLS	Parent no 2 : Smart
	

Weight W	Child	Weight W	Child
100		40	
90		30	
80		20	
70		10	
60		0	
50			

Figure 8. Résultats d'un croisement d'une *Mercedes classe S* et d'une *Smart* par « moyenne pondérée des génomes » avec différentes valeurs du poids *W*

4. Test de convergence

4.1. Le principe

Notre système d'aide à la conception est-il réellement capable de produire de l'innovation, de la nouveauté ? Est-il possible pour un être humain de concevoir à l'aide de notre système une nouvelle silhouette de voiture qui ne figurait pas du tout dans la population initiale ? L'espace des solutions possibles atteignables par notre système est-il suffisamment large pour réellement créer de la nouveauté, de l'innovation ?

Pour commencer à répondre à ces questions, nous pouvons exécuter un simple test. Un designer dessine sur une feuille de papier une silhouette de voiture qui lui vient spontanément à l'esprit et qui ne figure pas déjà dans la population initiale des 30 silhouettes détourées. Cette esquisse de silhouette est alors prise comme « individu de référence ». En utilisant notre système d'AGI, le même designer devrait pouvoir, en ayant sa silhouette de référence sous les yeux, pouvoir converger en quelques générations vers cette silhouette en attribuant des notes d'adaptation en fonction du degré de ressemblance avec cette référence. En fonction (1) du fait qu'on converge totalement ou partiellement vers cette silhouette cible, et (2) du fait que cette convergence se fait en un nombre réduit de génération, on pourra conclure à la qualité et à la capacité d'innovation et de surprise de notre système.

De manière alternative, on peut imaginer simplement de retirer un individu donné de la population initiale pour servir d'individu de référence.
Nous avons suivi cette démarche mais en faisant en plus abstraction de la subjectivité du designer dans sa notation du "degré de ressemblance" avec la référence. Ainsi, on est plus apte à juger des seules qualités du système d'AGI. Le rôle du designer a donc été joué par un algorithme qui évalue automatiquement les individus d'une génération en fonction de leur similarité avec l'individu de référence. Nous avons donc défini un *indice de similarité* entre les génomes de deux individus.

4.2. L'indice de similarité

Nous avons proposé la formule (9) pour calculer l'indice de similarité perçue – par le designer – *D(k,l)* entre les phénotypes issus de deux génomes G_k et G_l.

$$D(k,l) = \sum_{m=1}^{70} \alpha(m) \parallel g_{k,m} - g_{l,m} \parallel^2 \quad \text{avec} \tag{9}$$

$$\parallel g_{k,m} - g_{l,m} \parallel^2 = (u_{k,m} - u_{l,m})^2 + (u_{k,-m} - u_{l,-m})^2 + (v_{k,m} - v_{l,m})^2 + (v_{k,-m} - v_{l,-m})^2$$

Les coefficients u_m et v_m sont les parties réelles et imaginaires des coefficients complexes a_m ($a_m = u_m + i\, v_m$). Le paramètre $\alpha(m)$ est le facteur de pondération de la distance élémentaire entre deux gènes ; il doit impérativement être plus important pour les premières harmoniques que pour les harmoniques élevées parce qu'une différence de valeur donnée entre deux gènes sera d'autant plus apparente sur une silhouette que cela concerne les premières harmoniques qui jouent globalement sur la forme et non sur les détails.
Une série de tests utilisateurs ont donc été menés pour identifier la fonction $\alpha(m)$ par des tests de dissimilarités identiques pour des harmoniques différentes. Nous avons trouvé une forme exponentielle à $\alpha(m)$, une approximation a donné la formule (10).

$$\alpha(m) = 1{,}08\, e^{-0{,}08m} \tag{10}$$

Finalement, l'indice de similarité entre deux génomes *k* et *l* s'exprime par la formule (11).

$$StmInd\,(k,l) = \frac{100}{1 + \frac{1}{N} \cdot D(k,l)}\,\% \tag{11}$$

où *N* est un facteur de normalisation.

4.3. Les résultats

Pour le test, nous avons utilisé comme individu de référence la silhouette de la figure 9.a que nous avons retirée de la population initiale. Les paramètres de l'algorithme génétique ont été : générations de 100 individus, taux de renouvellement de 0,7 et probabilité de mutation de 0,3. La mutation pouvait changer un gène sur une étendue de ±(50%-200%). Après 10 générations notre système a généré la silhouette de voiture donnée en figure 9.b qui a un indice de similarité de 92%, ce qui peut être considéré comme satisfaisant car l'indice de similarité de la meilleure solution de la première génération était de 44%. La courbe donnée en figure 10 montre l'évolution rapide de la moyenne des notes d'adaptation des individus.

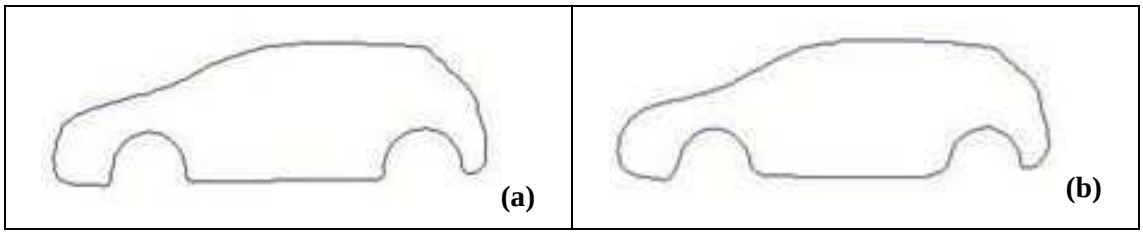


Figure 9. Comparaison entre la silhouette de référence (a) et la meilleure silhouette de la 10ème génération (b)

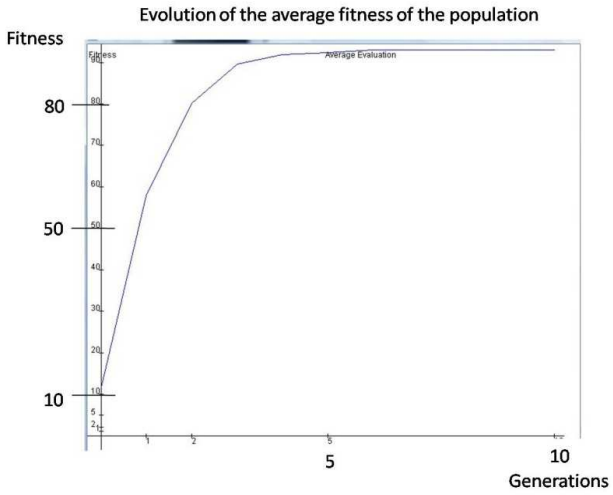


Figure 10. Evolution de la moyenne des notes d'adaptation des individus

5. Conclusion et perspectives

Nous avons présenté une méthode de codage génétique qui fonctionne sur le principe de décomposition en séries de Fourier de la silhouette d'un artefact. Cette méthode est très flexible et applicable en design à de nombreux objets. La qualité du codage et du décodage d'une silhouette ont été optimisés. Nous avons utilisé cette méthode de codage pour développer un système d'aide à la conception du type algorithme génétique interactif – AGI – qui est le support à l'évolution d'une esquisse design et aide à l'apparition de nouveauté. Un nouveau principe de croisement génétique a été proposé et ses bonnes propriétés de stabilité argumentées – génération de descendants viables –. Enfin, nous avons proposé la formule d'un indice de similarité perçue entre deux génomes qui a permis d'automatiser des tests pour évaluer la pertinence de notre système d'aide à la conception. En moins de 10 générations, il a été montré que le système est capable de converger automatiquement vers une silhouette « de référence » qui n'est pas présente dans la population initiale, avec un bon niveau de ressemblance. En conséquence, notre système a le potentiel de permettre aux designers de converger vers des idées, des intuitions sans qu'ils soient capables d'en expliquer les raisons mais en interagissant de manière intuitive avec des propositions de solutions. Nous espérons, par des tests complémentaires, montré que notre système est capable de créer de la surprise en explorant de larges espaces de silhouettes potentielles.

Plusieurs perspectives sont actuellement envisagées :

- Combiner plusieurs courbes fermées pour mieux caractériser le design du profil d'une voiture (voir [Cheutet 2007]).
- Permettre à tout moment une modification locale de la géométrie d'une solution de silhouette par le designer pour « reprogrammer » un code génétique à volonté.

- Complexifier l'évaluation interactive des individus par le designer en effectuant des évaluations multicritères sous différents attributs sémantiques : perceptuels ou émotionnels (voir aussi [de Rouvray 2006; Mantelet 2006]).
- Tenter de mesurer l'effet d'une marque d'un véhicule en design (voir [Mathieu 2007]), en parvenant à identifier dans les génomes des silhouettes des véhicules d'une marque une signature donnée ou en montrant que la similarité entre génomes d'une même marque est plus grande qu'entre génomes de marques différentes. Si le fait était avéré, on pourrait tenter de réinjecter dans le gène d'une silhouette donnée de voiture la « teinte » de la marque en question.

References

Ang M.C., Chau H.H., McKay A., de Pennington A., Combining evolutionary algorithms and shape grammars to generate branded product design, in Design Computing and Cognition '06, *Gero J.S. Editor, Springer Netherlands, 2006, p. 521-539.*

Bentley, P., Corne, D. (2001) An Introduction to Creative Evolutionary Systems, in Bentley, P. and Corne, D. (eds.) Creative Evolutionary Systems, Morgan Kaufmann, pp. 1-75. ISBN: 1558606734

Cheutet V., "2D semantic sketcher for a car aesthetic design", Actes de la conférence CPI'2007: Conception et Production Intégrées, *Rabat, Maroc, October 22-24, 2007.*

Dagher A., Petiot J.-F., "Study of the correlations between user preferences and design factors: application to cars front-end design", Proc. International Conference on Engineering Design: ICED'07, *Paris, France, August 28-31, 2007.*

de Rouvray A., "Intégration des préférences émotionnelles et sensorielles dans la conception de produits d'ameublement: Proposition d'une méthode d'ingénierie affective", Thèse de Doctorat, ENSAM, 2006.

Jeantet A., "Les objets intermédiaires de la conception", Sociologie du travail, Vol.3/98, 1998, pp. 291-316.

Kim H.S., Cho S.B., "Application of interactive genetic algorithm to fashion design", Engineering Applications of Artificial Intelligence vol. 13, 2000, p. 635-644.

Liu H., Tang M., Frazer J.H., "Supporting evolution in a multi-agent cooperative design environment", Advances in Engineering Software vol. 33, n° 6, 2002, p. 319 - 328.

Mantelet F., "Prise en compte de la perception émotionnelle du consommateur dans le processus de conception de produits", Thèse de Doctorat, ENSAM, 2006.

Mathieu J.-P., "Design et Marketing: Fondements et Méthodes". Recherches en Gestion, L'Harmattan, Paris, 2007.

McGarva J., Mullineux G., "Harmonic representation of closed curves", Applied Mathematical Modelling *vol. 17, 1993, p. 213-218.*

Nicaise F., Antonsson E.K., "Indirect encoding of structures for evolutionary design", Proc. International Conference on Engineering Design: ICED'07, *Paris, France, August 28-31, 2007.*

Osborn S., Cagan J., Pawlicki R., Smith R., "Creating cross-over vehicles: Defining and combining classes using shape grammars", Artificial Intelligence for Engineering Design, Analysis and Manufacturing *vol., 2006.*

Renner G., Ekart A., "Genetic Algorithms in Computer Aided Design", Computer Aided Design *vol. 35, 2003, p. 709-726.*

Vasiliu A., Yannou B., "Dimensional Synthesis of Planar Mechanisms Using Neural Networks: Application to Path Generator Linkages", Mechanism and Machine Theory *vol. 36, n° 2, 2001, p. 299-310.*

Yanagisawa H., Fukuda S., "Interactive Reduct Evolutional Computation for Aesthetic Design", Journal of Computing and Information Science in Engineering, *March, 2005.*